دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

ارزیابی ساختار ژنتیکی عملکرد و اجزای عملکرد در گندم نان (*Triticum aestivum* L.) با استفاده از روش دی‌آلل

فرهاد صادقی[1]

۱- استادیار، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی کرمانشاه، (نویسنده مسوول: fsadeghi40@yahoo.com)

تاریخ دریافت: ۹۲/۳/۹ تاریخ پذیرش: ۹۲/۶/۳۰

چکیده

به منظور برآورد خصوصیات ژنتیکی عملکرد و اجزای عملکرد از قبیل تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن ۱۰ سنبله گندم، وزن دانه در ۱۰ سنبله، هکتولیتر، وزن هزار دانه و عملکرد دانه از شش رقم گندم تجاری به نام‌های اترک، اروند، زرین، کرج-۳، Mv-17، نوید و نتاج آنها در قالب یک طرح تلاقی نیمه دی‌آلل استفاده شد. تلاقی‌های بین والدین در سال ۱۳۸۹-۱۳۸۸ انجام شد. آزمایش در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار در ایستگاه تحقیقاتی ماهیدشت کرمانشاه در سال ۹۰-۱۳۸۹ اجرا شد. داده‌های حاصل با استفاده از روش دی‌آلل تجزیه و تحلیل شدند. نتایج تجزیه واریانس داده‌ها بین ژنوتیپ‌ها برای کلیه صفات در سطح احتمال یک درصد معنی‌داری بود. آزمون‌های ضریب رگرسیون و اپیستازی نشان داد، مدل افزایشی- غالبیت برای بیشتر صفات به غیر از وزن دانه و وزن ۱۰ سنبله گندم و عملکرد دانه کفایت نمود. نتایج بدست آمده از تجزیه هیمن نشان داد که اثرات افزایشی و غیرافزایشی در کنترل صفات نقش دارند. بیشترین و کمترین میزان وراثت‌پذیری خصوصی به صفات وزن هزار دانه و وزن هکتولیتر به ترتیب ۵۷ درصد و ۱۳ درصد تعلق گرفت. با توجه وجود اثر افزایشی در مواد تحت بررسی و اثر تجمعی در انتقال ژن‌ها به نسل بعد، می‌توان از طریق گزینش در نسل‌های اولیه در افزایش صفات عملکرد و اجزای عملکرد دانه در برنامه اصلاح گندم نان استفاده نمود.

واژه‌های کلیدی: گندم نان، تجزیه گرافیکی هیمن، عملکرد و اجزای عملکرد، عمل ژن، وراثت‌پذیری

مقدمه

گندم نان یکی از محصولات راهبردی کشور و منبع اصلی تامین پروتئین و کالری بوده و به میزان ۴۵ درصد پروتئین و ۵۵ درصد از کالری مورد نیاز مردم کشور را تامین می‌نماید. میزان نان مصرفی برای هر نفر در سال بالغ بر ۱۶۰ کیلوگرم است که با توجه به جمعیت کشور حدود ۱۱ میلیون تن گندم نیاز سالانه است. این در حالی است که ۳ تا ۵ میلیون تن گندم در سال وارد کشور می‌شود که در حقیقت برابر با میزان ضایعاتی است که در این بخش متحمل می‌شویم (۱۸).

تولید و گسترش واریته‌های جدید گندم همواره مورد توجه به‌نژادگران گندم نان در

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-02-05]

دنیا بوده و خواهد بود (۶). تعیین روش‌های اصلاحی و گزینش مطلوب شانس اصلاح و ارتقاء ژنتیکی در کندم و هر غله دیگری را به‌طور چشمگیری افزایش می‌دهد. صفت عملکرد در گندم نان خیلی پیچیده و تحت تاثیر ژن‌های بسیار زیادی است. این صفت توسط چندین صفت دیگر مانند صفات اجزای عملکرد دانه که خود دارای توارث چند ژنی هستند، نیز کنترل می‌شود. گزارش‌های علمی نشان داد که برآورد وارثت‌پذیری صفات مرفولوژی روی عملکرد دانه تاثیر زیاد و معینی ایفا می‌نمایند. این صفات به نسبت عملکرد دانه دارای توارث‌پذیری بیشتری بوده و کمتر تحت تاثیر عوامل محیطی هستند (۸).

زارع کوهان و حیدری (۲۷) با استفاده از روش نیمه دی‌آلل و پنج رقم کندم نان صفات عملکرد و اجزای عملکرد را بررسی نمودند. مشخص شد که اثرات افزایشی و غیرافزایشی برای مطالعه صفات کافی نیست و اثرات متقابل بین‌آللی نیز در کنترل صفات حضور دارند. تجزیه گرافیکی به روش هیمن و متوسط درجه غالبیت نشان داد که عمل ژن در کلیه صفات به صورت غالبیت جزیی است. اجاقی و آخوندی (۲۲) به منظور بررسی توارث‌پذیری و اثرات ژنی عملکرد و صفات تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد پنجه در بوته، تعداد دانه در سنبله و ارتفاع بوته در هشت والد گندم نان از یک طرح نیمه دای‌آلل استفاده نمودند. نتایج نشان داد که اثرات افزایشی و غیرافزایشی در کنترل صفات نقش دارند. در این بررسی تعداد دانه در سنبله و ارتفاع بوته بیشتر توسط اثرات افزایشی و تعداد سنبلچه در سنبله و تعداد پنجه در بوته بیشترتوسط اثرات فوق غالبیت کنترل گردیدند.

عبدالرحمان رشید و همکاران (۱) با استفاده از پنج رقم گندم نان و روش نیمه دی‌آلل صفات عملکرد دانه و سایر اجزای آن را بررسی نمودند.نتایج نشان داد، بین ژنوتیپ‌ها برای کلیه صفات اختلاف معنی‌داری در سطح یک درصد دیده شد. نمودار گرافیکی هیمن نشان داد که صفات تعداد پنجه در بوته، طول سنبله، تعداد دانه در بوته به‌وسیله اثرات افزایشی و غالبیت نسبی کنترل می‌شوند. صفت وزن هزار دانه به‌وسیله فوق‌غالبیت و ژن‌های مغلوب کنترل می‌شود.

جوشی و همکاران (۱۳) در بررسی ژنتیکی صفات کمی وکیفی ده والد گندم هگزاپلوئید به روش تلاقی دی‌آلل گزارش نمودند، در گیاه خودگشن گندم اثر هتروتیکی بر اساس ترکیب‌پذیری خصوصی، تاثیر ناچیزی در اصلاح صفات دارد. تلاقی‌هایی که دارای SCA بالایی هستند، این حالت در نتیجه ترکیب‌پذیری عمومی برتر یکی از والدین است، که تعیین‌کننده تفکیک متجاوز مورد نظر است.

بارنلارد و همکاران (۳) بررسی ژنتیکی صفات کیفی گندم نان به روش تلاقی دی‌آلل به منظور تعیین توارث‌پذیری و قدرت ترکیب‌پذیری را در آفریقای‌جنوبی انجام دادند و توارث‌پذیری صفات کیفی گندم پیچیده و تحت کنترل صفات پلی‌ژنتیکی گزارش نمودند. این پژوهش‌گران نتیجه گرفتند که توارث‌پذیری خصوصی بالایی برای وزن هزار

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-02-05]

دانه و هکتولیتر نیز وجود دارد. توپال و همکاران (۲۵) با استفاده از روش تلاقی دی‌آلل کامل ۴×۴ گندم دوروم نشان دادند که وزن هزار دانه و سختی بذر تحت اثر غالبیت ژن است.

بر طبق گزارش برخی از پژوهش‌گران توارث‌پذیری صفات کمی و کیفی دانه در گندم بالا می‌باشد (۱۹،۱۵). در صورتی که بعضی از محققین دیگر توارث‌پذیری کم برای این صفات گزارش نمودند (۲۲،۲). هدف از انجام این تحقیق، شناخت نحوه توارث صفات عملکرد و اجزای عملکرد به منظور تعیین نوع روش اصلاحی و امکان ارزیابی، تولید ترکیب‌های مناسب و انتخاب افراد برتر در برنامه‌های به‌نژادی گندم می‌باشد.

مواد و روش‌ها

برای تهیه مواد ژنتیکی مورد نیاز و به منظور بررسی صفات عملکرد و اجزای عملکرد، شش رقم گندم تجاری به نام‌های اروند، اترک، زرین، کرج-۳، Mv-17 و نوید انتخاب (جدول ۱) و در سال زراعی ۸۹-۱۳۸۸ در ایستگاه تحقیقاتی ماهیدشت، کرمانشاه کشت گردیدند (۲۱).

جدول ۱- مشخصات صفات زراعی و کیفیت نانوایی والدین گندم‌های تجاری مورد استفاده

نام رقم	منشاء	شجره	تیپ رشد	کیفیت نانوایی	عملکرد دانه
اروند	ایران	Rsh (M1-ky×My48)	بهاره	متوسط	خوب
اترک	مکزیک	Kauz"S"	بهاره	خوب	متوسط
رزین	ترکیه	PK15841	بینابین	خوب	بسیارخوب
کرج-۳	ایران	(Drc×M8p/Son64×TzPP-Y54) Nai 60	زمستانه	خوب	خوب
Mv-17	مجارستان	Mv-17	زمستانه	ضعیف	خوب
نوید	ایران	(Kirkpinar 79) 63-112/66-2×7C	بینابین	ضعیف	بسیار خوب

تلاقی‌های یک طرفه بین شش والد یاد شده به منظور تولید نسل‌های F_1ها انجام شد. در سال زراعی ۹۰-۱۳۸۹ آزمایش مقایسه کیفی بین شش والد فوق همراه با ۱۵ نتاج F_1 آنها (در مجموع ۲۱ تیمار) در طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار انجام شد. بافت خاک ایستگاه ماهیدشت از نوع رسی لومی و مقدار کودهای مصرفی با توجه به آزمون خاک به مقدار ۵۰ کیلوگرم در هکتار پتاسیم (K_2O) از منبع سولفات پتاسیم، ۷۰ کیلوگرم کود فسفر (P_2O_5) از منبع سوپر فسفات تریپل و ۱۲۰ کیلوگرم کود نیتروژن (N) از منبع کود اوره که به صورت تقسیط در سه مرحله آبیاری اول، مرحله ساقه‌دهی و مرحله گل‌دهی استفاده شد. مزرعه بعداز مرحله رشد مجدد پنج مرحله هر بار ۱۰۰ میلی‌متر آبیاری شد. در طول دوره داشت مراقبت‌های زراعی لازم از قبیل مهار علف‌های هرز با علف‌کش توفوردی (U-46-D) و مبارزه با آفت سن گندم (*Eyrugaster integriceps*) با سم فنتریتیون (Sumithion 50%) به مقدار ۱/۵ انجام شد. در زمان رسیدن مزرعه، برداشت کرت‌های

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-02-05]

آزمایشی در چهار ردیف دو متری با حذف اثر حاشیه و به روش دستی انجام گردید. صفات اندازه‌گیری شده شامل تعداد سنبلچه در سنبله، وزن ۱۰ سنبله گندم، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در ۱۰ سنبله، هکتولیتر (وزن ۱۰۰ لیتر گندم)، وزن هزار دانه و عملکرد دانه در کرت بود.

تجزیه و تحلیل‌های آماری به روش جینکز و هیمن (۱۱،۱۰) به منظور برآورد اجزاء واریانس با استفاده از نرم‌افزار Dial98 انجام شد (۲۶،۱۷،۹).

اجزای واریانش شامل، واریانس افزایشی (D)، میانگین کواریانس‌های اثرات افزایشی و غیر افزایشی (F)، میانگین واریانس غالبیت (H_1)، میانگین واریانس غالبیت که بر اساس کنش ژن‌ها تصحیح شده است (H_2)، اثر غالبیت در کلیه مکان‌های ژنی (h^2) و واریانس محیطی (E) برآورد می‌شوند. در ضمن فرمول برخی از اجزای ژنتیکی به شرح زیر می باشند (۱۲).

میانگین درجه غالبیت (۲۰)

$$\sqrt{\frac{H_1}{4D}}$$

نسبت ژن‌هایی با اثرات مثبت و منفی در والدین (۲۰)

$$\frac{H_2}{4H_1}$$

نسبت ژن‌های غالب به مغلوب در والدین (۲۰)

$$\left[\frac{1/2\sqrt{(4DH_1)}+F/2}{1/2\sqrt{(4DH_1)}-F/2)}\right]$$

وراثت‌پذیری خصوصی (۲۰)

$$h^2n = \frac{D/4}{D/4 + H_1/16 - F/8 + E}$$

نتایج و بحث

تجزیه واریانس ساده (جدول ۲) هفت صفت عملکرد و اجزای عملکرد نشان داد که بین ژنوتیپ‌ها در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بودند و انجام تجزیه‌ها و برآورد خصوصیات ژنتیکی به روش تجزیه دی‌آلل (هیمن) امکان‌پذیر است.

جدول ۲- تجزیه واریانس صفات اجزای عملکرد و عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های گندم نان در طرح تلاقی دی آلل

منابع	درجه آزادی	تعداد سنبلچه در سنبله	تعداد دانه در سنبله	وزن ۱۰ سنبله گندم	وزن دانه در ۱۰ سنبله	وزن هکتولیتر	وزن هزار دانه	عملکرد
تکرار	۲	۰/۰۳^{ns}	۱۳/۴۷^{ns}	۰/۰۵^{ns}	۲۵/۷۰**	۳/۱۶**	۰/۵۸^{ns}	۱۶/۴۷*
ژنوتیپ	۲۰	۴/۴۵**	۱۱۵/۳**	۰/۷۰**	۵۴/۴۰**	۴/۷۵**	۲۳/۰۵**	۳۸/۴۵**
خطا	۴۰	۰/۵۳	۸/۵۲	۰/۰۵	۲/۸۹	۰/۶۳	۱/۵۴	۷/۵۲
ضریب پراکنش	--	۳/۴۱	۴/۵۶	۶/۳۹	۶/۱۰	۱/۰۳	۳/۱۸	۱۰/۵۶

ns، ** و *: به ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد و ۱ درصد.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-02-05]

آزمون مقدماتی به روش جینکز و هیمن (۱۱) نشان داد که شیب خط رگرسیون Wr روی Vr برای بیشتر صفات مورد مطالعه اختلاف معنی‌داری از یک نشان نداد. در مقابل اختلاف شیب خط رگرسیون برای صفات وزن ۱۰ سنبله گندم و وزن دانه در ۱۰ سنبله و عملکرد دانه معنی‌دار بود. علاوه بر این آزمون مقایسه میانگین مربعات Vr-Wr نیز برای این صفات معنی‌دار نبود. بنابر این اثر اپیستازی ژن‌ها در کنترل بیشتر صفات وجود نداشت، یعنی فرضیات مدل هیمن صادق بود و می‌توان تجزیه و تحلیل گرافیکی دی‌آلل را به طور کامل برای آنها انجام داد (جدول ۳).

جدول ۳- آزمون ضریب رگرسیون Wr روی Vr و آزمون اثر اپیستازی (Wr-Vr)

پارامتر	تعداد سنبلچه در سنبله	تعداد دانه در سنبله	وزن ۱۰ سنبله گندم	وزن دانه در ۱۰ سنبله	وزن هکتولیتر	وزن هزار دانه	عملکرد
ضریب رگرسیون	۰/۸۴۳	۰/۷۰۹	۰/۶۷۲	۰/۷۱۳	۰/۸۲۲	۱/۰۹۰	۱/۳۲۰
آزمون $H_0: \beta = 1$:t	۰/۲۵^{ns}	۰/۹۵^{ns}	۱/۶۰^{ns}	۱/۰۳^{ns}	۰/۳۲^{ns}	۰/۲۹^{ns}	۱/۱۵^{ns}
$H_0: \beta = 0$	۱/۳۳^{ns}	۰/۶۴^{ns}	۳/۲۲*	۲/۶۴*	۱/۴۸^{ns}	۳/۴۶**	۴/۸۷**
Ho: α= o	۰/۳۹^{ns}	۰/۳۵^{ns}	۰/۳۱^{ns}	۱/۴۵^{ns}	۰/۷۰^{ns}	۰/۶۲^{ns}	۰/۳۸^{ns}
میانگین مربعات Wr+Vr	۳۸/۷۷	۱۵/۱۸	۰/۱۷	۱۰/۹۰	۴۲۲۹/۵۰	۹۱/۰۰	۵۰۲/۳۰
میانگین مربعات Wr-Vr	۱۱/۳۶	۲/۸۲	۰/۲۷	۳/۹۰	۳۶۲/۵۰	۳۸/۸۰	۳۴/۶۰
کفایت مدل			زرین	Mv-17			Mv-17

ns، ** و *: به ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد و ۱ درصد.

اما تفاوت معنی‌دار شیب خط رگرسیون Wr روی Vr از یک برای صفات وزن ۱۰ سنبله گندم، وزن دانه در ۱۰ سنبله و عملکرد دانه نشان داد که عدم وجود اپیستازی یا اثرمتقابل ژن‌های کنترل کننده این صفات صادق نبود. برای رفع این مشکل و صادق بودن فرضیات مدل، برای صفات وزن دانه در ۱۰ سنبله و عملکرد دانه والد Mv-17 حذف و در صفت وزن ۱۰ سنبله گندم نیز والد زرین حذف گردید. برای بار دوم تجزیه دای‌آلل و آزمون شیب خط رگرسیون Wr روی Vr انجام شد. حذف رقم‌های فوق برای این صفات، غیرمعنی‌دار شدن شیب خط رگرسیون از یک و عدم وجود اثر اپیستازی ژن‌ها و صادق شدن فرضیات مدل به همراه داشت (جدول ۳). به این ترتیب تجزیه و تحلیل هیمن به طور کامل برای کلیه صفات انجام شد (۲۴،۲۳،۲۰).

تجزیه واریانس هیمن برای صفات وابسته به عملکرد و اجزای آن در جدول ۴ درج شده است. در این جدول آماره‌های a و b برای کلیه صفات مورد بررسی در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود و تنها صفت وزن ۱۰ سنبله گندم برای آماره a معنی‌دار نبود. شایان ذکر است، تجزیه‌های بعدی داده‌ها با استفاده از روش هیمن (۱۶)، برآورد Vr و Wr زمانی معتبر است که جزء b معنی‌دار باشد. آماره‌های

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-02-05]

a و b به ترتیب، تنوع ناشی از عمل ژن‌ها را با اثرهای افزایشی و غالبیت نشان می‌دهند. این آماره‌ها برآوردی از ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی هستند. آماره b به اجزای b_1، b_2 و b_3 تفکیک می‌شود. جزء b_1 مقایسه بین میانگین F_1ها و متوسط والدها را تعیین می‌نماید و نشان‌دهنده غالبیت یک طرفه (جهت‌دار) می‌باشد. یعنی این جزء متوسط هتروزیس را آشکار می‌نماید (۲۳،۲۰). در جدول مشاهده می‌شود که این آماره نیز برای کلیه صفات اندازه‌گیری شده به‌غیر از تعداد سنبلچه در سنبله، هکتولیتر و وزن هزار دانه در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود و غالبیت یک طرفه در صفات یاد شده مشاهده نشد. جزء b2 برای بیشتر صفات به‌غیر از وزن دانه در ۱۰ سنبله و عملکرد دانه در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود. آماره یاد شده هتروزیس خاص وابسته به هر والد را نشان می‌دهد. معنی‌دار شدن آن یعنی فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب در والدین متفاوت بودند و توزیع نامتقارن ژن‌ها را نشان می‌دهد. جزء b3 آن بخش از انحراف غالبیت را آزمون می‌کند که بیشترین جزء غالبیت است و برابر با مقدار ترکیب‌پذیری خصوصی در روش گریفینگ است (۲۴،۲۳،۲۰). این جزء برای بعضی از صفات مانند وزن دانه در ۱۰ سنبله، وزن هکتولیتر و وزن هزار دانه در سطح احتمال یک و پنج درصد معنی‌دار و در سایر صفات معنی‌دار نبود.

جدول ۴- تجزیه واریانس صفات اجزای عملکرد و عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های گندم نان در طرح تلاقی دی آلل

منابع	درجه آزادی	تعداد سنبلچه در سنبله	تعداد دانه در سنبله	وزن ۱۰ سنبله گندم	وزن دانه در ۱۰ سنبله	وزن هکتولیتر	وزن هزار دانه	عملکرد
عامل a	۵	۲۶۳/۲۰**	۹/۲۴**	۰/۲۲*	۴۸/۴۰**	۶/۵۹**	۵۱/۳۸*	۴/۰۵**
عامل b	۱۵	۵۱/۹۱**	۲/۴۰**	۰/۵۹**	۲۳/۳۰**	۲/۹۹**	۱۳/۹۹**	۲/۳۴*
b1	۱	۲۴/۳۳*	۴/۲۱**	۰/۴۰**	۱۲/۹۸**	۰/۹۰ns	۲۵/۴۲**	۸/۹۱**
b2	۵	۱۶۶/۵۴**	۶/۰۰**	۰/۳۱*	۱۳/۷۹ns	۵/۵۰**	۱۰/۱۴**	۱/۵۰ns
b3	۹	۹/۷۰ns	۰/۱۹*	۰/۱۵*	۱/۵۰*	۱/۸۳**	۱۴/۸۶**	۱/۷۲*
خطا	۷۰	۹/۶۹	۰/۵۶	۰/۰۶	۶/۶۹	۰/۶۲	۲/۸۷	۰/۸۳

ns، ** و *: به ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد و ۱ درصد.

برآورد شاخص‌های آماری و اجزاء ژنتیکی برای هفت صفت مورد مطالعه در جدول ۵ درج شده است. نتایج تجزیه واریانس ترکیبات اجزاء ژنتیکی دراین جدول نشان داد که آماره D (واریانس افزایشی) و آماره‌های H_1 و H_2 (واریانس غیرافزایشی) برای بیشتر صفات عملکرد و اجزای عملکرد دانه به‌غیر از واریانس آماره D برای وزن ۱۰ سنبله و عملکرد دانه با توجه به مقدار SE مربوطه معنی‌دار بودند. در صفات وزن دانه در ۱۰ سنبله و وزن هزار دانه نقش اثر افزایشی (مقدار D) بیش از اثر غالبیت (مقدار H) بود.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-02-05]

جدول ۵- برآورد اجزاء ژنتیکی صفات اندازه‌گیری شده بر اساس روش هیمن

پارامتر	تعداد سنبلچه در سنبله	تعداد دانه در سنبله	وزن ۱۰ سنبله	وزن دانه در ۱۰ سنبله	وزن هکتولیتر	وزن هزار دانه	عملکرد
واریانس افزایشی	۸۲/۸۷ ±۱۸/۷۸	۲/۹۱±۰/۶۴	۰/۱۰±۰/۰۵	۱۳/۵۱ ±۵/۸۰	۱/۹۸ ±۰/۶۲	۱۶/۲۹ ± ۳/۵۷	۱/۰۶±۰/۶۸
واریانس غالبیت	۱۲۸/۲۹ ±۲۵/۱۴	۵/۵۵ ±۰/۹۰	۰/۴۱ ±۰/۱۲	۱۳/۹۹ ± ۶/۵۰	۵/۷۸ ± ۱/۰۰	۱۲/۰۲± ۳/۲۵	۲/۳۳± ۱/۰۲
واریانس غالبیت	۸۳/۷۳ ± ۱۶/۰۱	۳/۹۰± ۰/۶۱	۰/۳۶۰± ۰/۱۱	۱۱/۴۱۰± ۴/۹۰	۴/۱۰± ۰/۷۱	۸/۵۸۰± ۲/۱۷	۲/۱۱± ۰/۸۳
فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب	۴۴/۵۶	۱/۶۵	۰/۰۵	۲/۵۸	۱/۶۸	۳/۴۸	۰/۲۲
اثر متقابل اثر افزایشی و غیرافزایشی	۲۷/۱۰±۱۱/۹۱	۴/۲۰± ۰/۹۲	۰/۰۸±۰/۰۲	۶/۶۰ ±۵/۶۶	۳/۰۹ ±۰/۹۲	۱۱/۸۱± ۴/۲۹	۰/۸۹± ۰/۸۲
اثر غالبیت در تمام مکان‌های زنی	۸/۶۸±۳/۷۷	۱/۳۸ ± ۰/۱۲	۰/۹۷± ۰/۱۲	۲۱/۸۷ ± ۱۱/۴۰	۰/۳۵ ± ۰/۰۸	۵/۲۵ ± ۳/۲۲	۲/۱۴ ± ۱/۳۰
نسبت واریانس غالبیت به افزایشی	۰/۷۷± ۰/۱۲	۰/۹۳ ± ۰/۱۲	۱/۰۳± ۰/۰۶	۱/۰۲± ۰/۲۸	۱/۶۸± ۰/۲۲	۰/۸۶ ± ۰/۰۹	۰/۵۵ ± ۰/۴۷
تعداد گروه‌های ژنی	۰/۰۵	۰/۳۶	۲/۶۹	۱/۹۱	۰/۰۲	۰/۹۹	۱/۰۱
توزیع نسبی ژن‌های افزاینده و کاهنده	۰/۱۶	۰/۱۴	۰/۲۳	۰/۲۱	۰/۱۷	۰/۱۹	۰/۲۳
میانگین درجه غالبیت	۰/۶۳	۰/۶۹	۱/۶۰	۰/۵۱	۰/۸۴	۰/۴۳	۰/۷۶
توزیع نسبی ژن‌های غالب و مغلوب	۱/۰۰	۱/۰۳	۱/۰۱	۱/۲۷	۱/۰۳	۱/۰۱	۱/۰۵
توارث‌پذیری خصوصی	۰/۲۴± ۰/۰۶	۰/۱۴± ۰/۰۵	۰/۲۱± ۰/۰۸	۰/۴۹± ۰/۰۷	۰/۱۳± ۰/۰۵	۰/۵۷± ۰/۰۵	۰/۲۰± ۰/۰۹

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-02-05]

هر دو اثر افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل صفات نقش داشتند. این نتایج با دستاوردهای پژوهش‌گران دیگر (۷،۴،۳) نیز مطابقت داشت.

با توجه به مقدار مثبت H_1-H_2 در تمام صفات مورد مطالعه همچنین به دلیل اینکه نسبت $H_2/4H_1$ در بیشتر صفات کمتر از ۲۵ درصد بود، می‌توان عنوان کرد که فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب در صفات مورد بررسی برابر نمی‌باشد. آماره F برای صفات تعداد دانه در سنبله، وزن هکتولیتر و وزن هزار دانه معنی‌دار بود که نشان‌دهنده حضور بیشتر ژن‌ها با اثر کاهشی در کنترل صفات یاد شده است و در سایر صفات این آماره معنی‌دار نبود و نشان از حضور بیشتر ژن‌های با اثر افزایشی در کنترل این صفات است. برآورد تقارن ژن‌های غالب و مغلوب در والدین از طریق نسبت $[4DH_1/2^{0.5} + F/2]/[4DH_1/2^{0.5} - F/2]$ در حدود عدد یک بود و بیانگر تقارن ژن‌های غالب و مغلوب در کنترل صفات می‌باشد. این نتیجه با نتایج آماره‌های H_1، H_2، D و تجزیه گرافیکی هیمن همخوانی دارد. میانگین درجه غالبیت $(H_1/4D)^{1/2}$ در کلیه صفات کمتر از یک بود که از نظر آماری معنی‌دار نبود و با توجه آزمون t یا آزمون خط برازش از مبدا مختصات (α) نشان از اثر غالبت کامل ژن‌ها یا عبور خط رگرسیون از مبدا مختصات بود (جدول ۳). بیشترین و کمترین میزان وراثت‌پذیری خصوصی به صفات وزن هزار دانه و وزن هکتولیتر به ترتیب ۵۷ درصد و ۱۳ درصد تعلق گرفت. وارثت‌پذیری خصوصی در سایر صفات بالا و قابل توجه بود. با وجود اثرات افزایشی در کنترل صفات امکان اصلاح در ژنوتیپ‌های تولیدی در جهت ارتقاء صفات کمی وجود دارد (جدول ۵).

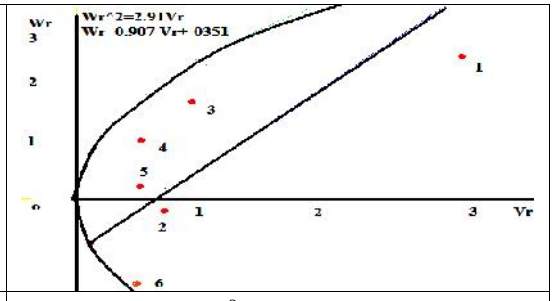
آزمون برازش (α) از خط رگرسیون Wr روی Vr برای کلیه صفات اجزای عملکرد و عملکرد دانه نسبت به مبداء مختصات یا صفر اختلاف معنی‌داری نشان نداد، به این معنی خط رگرسیون از مبداء مختصات عبور نمود و صفات یاد شده تحت تاثیر غالبیت کامل ژن‌ها قرار دارند. پراکنش والدها در طول خط رگرسیون نشان‌دهنده حضور ژن‌های غالب یا مغلوب و یا هر دو در والدین است. این پراکنش برای صفت تعداد سنبلچه در سنبله (شکل ۱) نشان داد که رقم اروند در دورترین نقطه نسبت به محل برخورد خط رگرسیون با محور Wr قرار گرفته است. در نتیجه رقم اروند برای صفت یاد شده حامل بیشترین تعداد ژن‌های مغلوب بود. رقم زرین در میانه خط رگرسیون قرار گرفت و حامل ژن‌های غالب و مغلوب بود. ارقام اترک، کرج-۳، Mv-17 و نوید در نزدیکی برخورد خط رگرسیون با محور Wr قرار داشتند و دارای ژن‌های غالب بیشتری برای کنترل صفت بودند. در صفت تعداد دانه در سنبله ارقام اترک، کرج-۳ در دورترین نقطه برخورد خط رگرسیون با محور Wr قرار گرفته بودند و حامل ژن‌های مغلوب و سایر ارقام در نزدیکی برخورد خط رگرسیون با محور Wr قرار گرفتند و بیشتر حامل ژن‌های غالب بودند (شکل ۲). درصفت وزن ۱۰ سنبله گندم (شکل ۳) رقم اروند در دورترین نقطه برخورد خط رگرسیون به محور Wr قرار گرفت و همین‌طور صفت یاد شده

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-02-05]

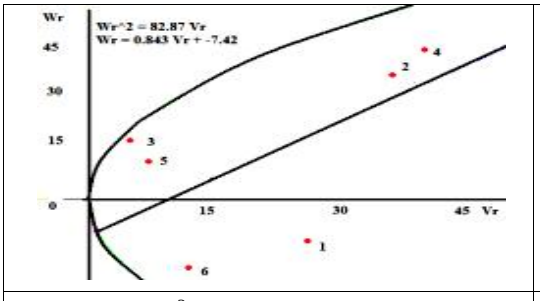
حامل ژن‌های مغلوب بود. رقم زرین در نقطه وسط خط رگرسیون قرار گرفت و دارای نسبت برابری از ژن‌های غالب و مغلوب در کنترل صفت بود. اما ارقام اترک، Mv-17 و کرج-۳ در نزدیکی برخورد خط رگرسیون با محور Wr قرار گرفت و بیشتر ژن‌های غالب در کنترل صفت نقش داشتند. در صفت وزن دانه در ۱۰ سنبله (شکل ۴) ارقام کرج-۳ و نوید در دورترین نقطه محل برخورد خط رگرسیون با محور Wr قرار گرفتند و بیشتر دارای ژن‌های مغلوب بودند. رقم اترک در نقطه مایل به وسط خط رگرسیون قرار گرفت و حامل تعداد برابری ژن‌های غالب و مغلوب بود. اما ارقام اروند و زرین در نزدیکی محل برخورد خط رگرسیون با محور Wr قرار گرفتند و درصد بیشتری از ژن‌های غالب در کنترل صفت نقش داشتند. در صفت وزن هکتولیتر (شکل ۵) رقم کرج-۳ در دورترین نقطه بود، یعنی بیشتر حامل ژن‌های مغلوب بود و سایر ارقام در نزدیک‌ترین نقطه برخورد خط رگرسیون با محور Wr و دارای ژن‌های غالب بیشتری بودند. در صفت وزن هزار دانه (شکل ۶) ارقام اروند، اترک، MV-17 و نوید در دورترین نقطه برخورد خط رگرسیون با محور Wr بودند، لذا بیشتر حامل ژن‌های مغلوب بودند. ارقام زرین و کرج-۳ در نزدیک‌ترین نقطه برخورد خط رگرسیون با محور Wr استقرار یافته و حامل درصد بیشتری از ژن‌های غالب در کنترل صفت یاد شده بودند. در صفت عملکرد دانه (شکل ۷) رقم اروند در دورترین نقطه و حامل ژن‌های مغلوب بود. رقم کرج-۳ در وسط خط رگرسیون، دارای تعداد متعادلی از ژن‌های غالب و مغلوب، ارقام اترک و زرین حامل ژن‌های غالب و رقم نوید حامل ژن‌های فوق غالبیت بود.

در نتیجه‌گیری کلی می‌توان بیان نمود. ارقام پرمحصول زرین و نوید بیشتر حامل ژن‌های غالب در کنترل صفات اجزای عملکرد و عملکرد بودند. برآورد شاخص‌های آماری (جدول ۵) و نمودارهای سهمی به استفاده از روش هیمن تایید بر رفتار ژن‌ها به صورت اثر افزایشی و غیرافزایشی در کنترل صفات اجزای عملکرد و عملکرد دانه در گندم نان بود. بخش بزرگی از کل تنوع ژنتیکی مشاهده شده روی صفات توسط اثر افزایشی ژن‌ها کنترل می‌شوند. بنابر این برای بهبود آنها می‌توان از روش اصلاحی مبتنی بر تلاقی والدین منتخب و گزینش زودهنگام در برنامه‌های اصلاحی استفاده نمود. همچنین اثرات غیرافزایشی در کنترل صفات دخالت داشتند. بنابراین با تثبیت صفات و گزینش در نسل‌های آخر یا استفاده از روش دابل‌هاپلوئیدی و تولید لاین‌های خالص از نتاج برتر می‌توان استفاده نمود. این نتایج با دستاوردهای بیشتر پژوهش‌گران از جمله (۷،۵،۳) مطابقت دارد. حبیب و خان (۱۴) گزارش نمودند که عملکرد و اجزای عملکرد به میزان بسیار زیادی از اثرات افزایشی ژن‌ها تاثیرپذیر است. این نتایج ساختار مناسبی از وضعیت استقرار و رفتار ژن‌ها در کنترل صفات عملکرد و اجزای عملکرد آشکار می‌سازد و کلیدی در جهت انتخاب والدین با هدف ارتقاء سطح کمی مانند افزایش وزن هزار دانه، طول خوشه، وزن خوشه و افزایش تعداد سنبلچه‌ها در ارقام و لاین‌های تولیدی در ابتدای برنامه اصلاحی گندم است.

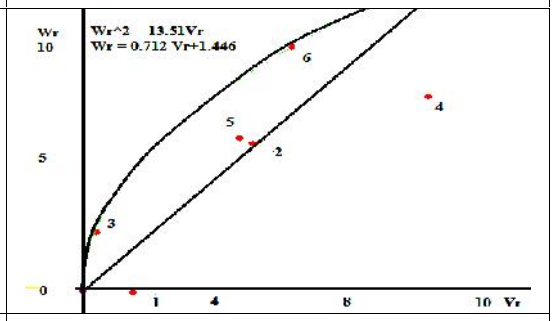
[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-02-05]



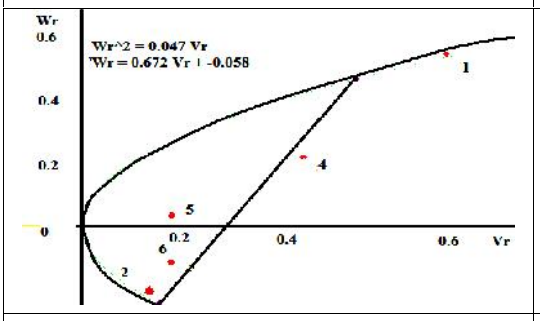
شکل ۱- سهمی محدودکننده W_r^2 به همراه پراکنش والدین برای صفت تعداد سنبلچه در سنبله



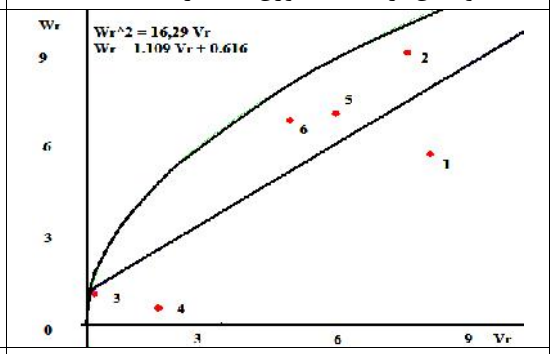
شکل ۲- سهمی محدودکننده W_r^2 به همراه پراکنش والدین برای صفت تعداد دانه در سنبله



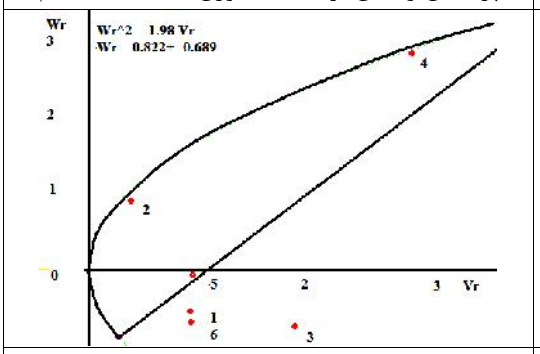
شکل ۴ - سهمی محدودکننده W_r^2 به همراه پراکنش والدین برای صفت وزن دانه در ۱۰ سنبله



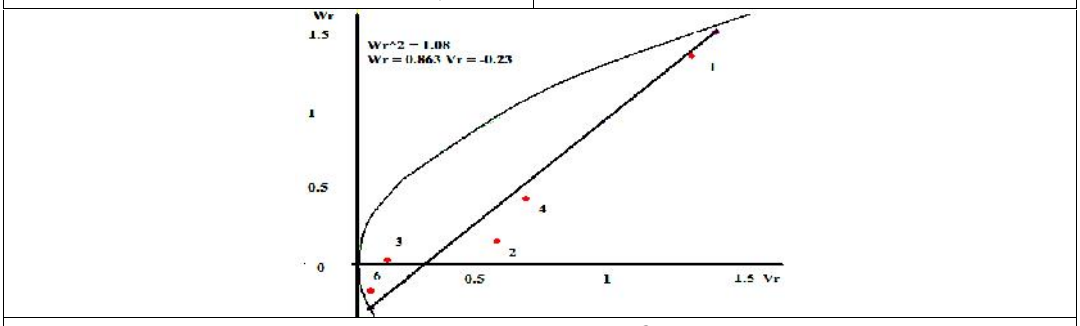
شکل ۳- سهمی محدودکننده W_r^2 به همراه پراکنش والدین برای صفت وزن ۱۰ سنبله گندم



شکل ۶- سهمی محدودکننده W_r^2 به همراه پراکنش والدین برای صفت وزن هزار دانه



شکل ۵- سهمی محدودکننده W_r^2 به همراه پراکنش والدین برای صفت هکتولیتر



شکل ۷- سهمی محدودکننده W_r^2 به همراه پراکنش والدین برای صفت عملکرد دانه

در شکل‌های ۱ تا ۷ اعداد درج شده به ترتیب عبارت است از ۱- رقم اروند، ۲- رقم اترک، ۳- رقم زرین، ۴-رقم کرج-۳، ۵- لاین Mv-17 و ۶ رقم نوید می‌باشد.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-02-05]

منابع

1. Abdul Rehman Rashid, M., A. Salam Khan and R. Iftikha. 2012. Genetic Studies for Yield and Yield Related Parameters in Bread Wheat. American-Eurasian Journal of Agricultural & Environmental Sciences, 12(12): 1579-1583.
2. Aycicek, M. and T. Yildirim. 2006. Heritability of yield and some yield components in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes. Bangladesh Journal of Botany, 35(1): 17-22.
3. Barnlard, A., T. Labuschange and H. Niekerk. 2001. Heritability estimates of bread wheat quality traits in the Western Cape Province of South Africa. Euphytica, 127: 115-122.
4. Cemal, Y., B. Faheem Shehzeol and O. Hakan. 2009. Genetic analysis of some physical properties of bread wheat grain. Turkish Journal of Agriculture and Forestry, 33: 525-535.
5. Dağüstü, N. 2008. Genetic analysis of grain yield per spike and some agronomic traits in diallel crosses of bread wheat (*Triticum aestivum* L). Turkish Journal of Agriculture and Forestry, 32: 249-258.
6. Edwards, I.B. 2001. Hybrid wheat. *In*: Bonjean, A.P. and W.J. Angus (eds.), *The* World Wheat Book: A Hhistory of Wheat Breeding, Lavoiser Publishers, Paris.1019-1045 pp.
7. El-Khayat, GH., J. Samaan, F.A. Manthey, M.P. Fuller and C.S. Brennan. 2006. Durum wheat quality I: some physical and chemical characteristics of Syrian durum wheat genotypes. International Journal of Food Science and Technology, 41: 22-29.
8. Fethi, B. and M. El-Gassh. 2010. Episasis and Genotype by environment interaction of grain protein contentin durum wheat. Genetic and Molrculer Biology, 33(1): 125-130.
9. Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Australian Journal of Biological Science, 463-493.
10. Jinks, J.L. 1956. The F2 and backcross generations form a set of diallel crosses. Heredity, 10: 1-30.
11. Jinks, J.L. and B.I. Hayman. 1953. The analysis of diallel crosses. Maize Genetics, 43: 223-234.
12. Jain, K. and G. Singh. 1978. Estimates of additive, dominance and additive additive genetic variances in common wheat. In: S. Ramanujam (Ed). Fifth Int Wheat Genetics Symp, New Delhi, India. 606-612 pp.
13. Joshi, S.K., S.N. Sharma, D.L. Singhania and R.S. Sain. 2004. Combining ability in the F1 and F2 generations of diallel cross in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell). Hereditas, 141: 115-121.
14. Habib, I. and A.S. Khan. 2003. Genetic model of some economic traits in bread wheat (*Titicum aestivum* L.). Asian Journal of Plant Sciences, 2: 1153-1154.
15. Hanson, W.D. 1963. Statistical Genetics and Plant Breeding. National Academirs of Sciences, National Research Council No. 982. Heritability, 125-140 pp.
16. Hayman, B.I. 1954 a. The theory and analysis of diallel crosses. Genetics, 39: 789-809.
17. Hayman, B.I. 1958. The theory and analysis of diallel crosses. II. Genetics, 43: 63-85.
18. Iran-Nejad, H. and N. Shahbaziyan. 2005. Cereal cultivation. (Vol. I), Wheat. Karenoo Publications, Tehran, Iran, 272 pp. (In Persian)

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-02-05]

19. Ketata, H., L.H. Edwards and E.L. Smith. 1976b. Inheritance of eight agronomic characters in a winter wheat crosses. Crop Sciences, 16: 19-22.
20. Moghaddam, M. and H. Amiri Oghan. 2010. Biometrical methods in quantitive genetic analysis (Translated). 139-203 pp. (In Persian)
21. Najafian, G., M.R. Jalal-Kamali and J. Azimian. 2008. Description of Iranian grown wheat cultivars and promising lines. Publishers Seed and Plant Improvement Institute. pp: 70, 86, 96, 108 and 116. (In Persian)
22. Ojaghi, J. and A. Akhundi. 2010. Genetic Effects for Grain Yield and its Related Traits in Doubled Haploid Lines of Wheat. Int. International Journal of Agriculture and Biology, 12(1): 86-90.
23. Sharma, R. 1998. Statistical and Biometrical techniques in plant breeding. Publishers H.S. Poplai for New Age International Limited, New Delhi. 178-197 pp.
24. Singh, R.P. and S. Singh. 1992. Estimation of genetic parameters through generation means analysis in bread wheat. Indian Journal of Genetics and Plant Breeding, 52: 369-375.
25. Topal, A., C. Aydin, N. Akgun and M. Babaoglu. 2004. Diallel cross analysis in durum wheat: identification of best parents for some kernel physical features, Field crops Research, 87: 1-12
26. Ukai, Y. 2006. Analysis of full and half diallel tables (DIAL. 98). Virtual Institute of Statistical Genetics. http://Ibm. ab. a u-tokyo.ac,JP/-ukai.
27. Zare-kohan1, M. and B. Heidari. 2012. Estimation of Genetic Parameters for Maturity and Grain Yield in Diallel Crosses of Five Wheat Cultivars Using Two Different Models. Journal of Agricultural Science, 4(8): 74-85.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-02-05]

Estimation of Genetic Structure of Yield and Yield Components in Bread Wheat (*Triticum Aestivum* L.) using Diallele Method

Farhad Sadeghi[1]

1- Assistant Professor, Agriculture and Natural Resources Research Center of Kermanshah
(Corresponding author: fsadeghi40@yahoo.com)
Received: May 30, 2013 Accepted: September 21, 2013

Abstract

In order to estimate gene action of yield and yield components characteristics such as Spikelet Number per Spike, Biomass Weight, Kernel Number per Spike, Seed weight of 10 spikes, Hectoliter Weight, 1000 kernel weight and Yield, six genotypes of bread wheat such as: Arvand, Atrak, Zarrin, Karaj-3, Mv-17 and Navid were used in a 6×6 half-diallel cross. The crosses among the parents were down in 2009-2010. The experiment was conducted in a randomized complete block design with three replications at the research station Mahidasht Kermanshah, Iran in 2010-2011. Data were analyzed using diallel method. Analysis of variance showed significant differences ($P<0.01$) among the genotypes for all studied traits. Regression coefficient and epistasis tests showed fitness of additive-dominance model for most of the traits except grain yield, 10 spikes weight and seed weight in 10 spikes. Results of Hayman analysis showed that contributions of additive and non-additive effects were involved in control of the traits. Hayman's graphical analysis showed that A and B parameters were significant at 1% levels. The highest and the lowest heritability of traits belonged to hectoliter weight and 1000 grains weight, were 57% and 13%, respectively. Regarding presence of additive effects for understudy materials and cumulative effect of genes help early generations, screening of cultivars and it, in turn may improve yield and its components.

Keywords: Bread wheat, Hayman's graphical analysis, Yield and yield components traits, Gene action, Heritability

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-02-05]